

**CIRAD**  
**ATP 96/21**

**SÉMINAIRE GESTION RAISONNÉE DES RÉSISTANCES**  
**DES PLANTES AUX PATHOGÈNES**

---

**MONTPELLIER 11-12 SEPTEMBRE 1997**

---

## Séminaire de gestion raisonnée des résistances des plantes aux pathogènes

CIRAD, Montpellier 11-12/9/97

Génétique de la résistance au virus de la panachure jaune du riz (RYMV)

A. Ghesquière

Le virus de la panachure jaune du riz (Rice yellow mottle virus) a été décrit pour la première fois au Kenya en 1974. Depuis, il s'est répandu dans toute l'Afrique ainsi qu'à Madagascar où il cause des dégâts très importants principalement en riziculture irriguée. L'introduction de variétés asiatiques à haut rendement et l'intensification de la riziculture irriguée ont été vraisemblablement des facteurs déterminants dans l'émergence très rapide de cette maladie limitée actuellement au seul continent africain. Le RYMV est un virus stable à multiplication rapide qui est transmis en conditions naturelles par différentes espèces de coléoptères (*Chrysomelidae*), principalement *Sessilia pusilla* et *Chaetocnema pulla*. Il semble que la transmission par le sol ou directement par contact entre les feuilles est également possible. Au laboratoire, le virus peut être transmis artificiellement par voie mécanique ce qui permet d'évaluer la résistance du matériel à partir de tests sérologiques. Les espèces sauvages de riz *O. longistaminata* et *O. breviligulata* ainsi que différentes espèces de graminées sont également des hôtes du virus et constituent ainsi des réservoirs permanents de maladie. Le RYMV est un virus à ARN monocaténaire de polarité positive lié à une protéine Vpg en 5'. Il fait partie du groupe des sobémovirus. Le séquençage d'un isolat de Côte d'Ivoire a été réalisé par L'ILTAB et a permis de déterminer 4 cadres de lecture. L'ORF4 code pour la protéine de la capsid (26KDa) et l'ORF2 correspond à une polyprotéine de 100 KDa. La réalisation d'un clone d'ADNc infectieux du RYMV sert de support à des expérimentations de délétion au sein de l'ORF4 pour tester le rôle de la protéine de la capsid dans l'infection et le déplacement du virus dans la plante et envisager l'induction de la résistance par transformation génétique.

De manière complémentaire à ces activités, le développement de la cartographie génétique et des marqueurs moléculaires permet d'envisager l'utilisation de gènes de résistance naturelle. Depuis 1993, l'ORSTOM développe une activité intégrée sur le RYMV visant à : i) déterminer les composantes de la diversité biologique, sérologique et moléculaire du virus (LPRC/CIRAD/ORSTOM), ii) caractériser des sources de résistance naturelle et iii) identifier leurs bases génétiques à l'aide de la cartographie génétique (LRGAPT/ORSTOM). Jusqu'à très récemment, il n'existait pas de sources de résistance clairement identifiées dans les variétés irriguées *indica*, en revanche celles-ci se concentrent dans les variétés pluviales du groupe *japonica* et dans les quelques variétés flottantes Aman du Bangladesh. A côté de cette résistance partielle, il existe une résistance beaucoup plus forte observée chez quelques rares variétés de l'espèce africaine de riz cultivé *O. glaberrima*, et exceptionnellement dans une variété *indica* d'*O. sativa* (Gigante). Les différences de résistance partielle se caractérisent par une différence de cinétique de la multiplication/diffusion du virus que l'on peut détecter par test -Elisa à un stade jeune. Ces différences sont bien associées à la rapidité du développement des symptômes foliaires et à l'impact de la maladie sur le tallage, la hauteur, le retard à la floraison et la stérilité. Les variétés résistantes d'*O. glaberrima* et cette lignée particulière d'*O. sativa* se caractérisent par un contenu en virus extrêmement faible se maintenant pendant toute la durée du cycle de la plante et s'accompagnant d'une absence totale de symptômes. Elles présentent ainsi un grand intérêt en amélioration des plantes.

Les bases génétiques de la résistance partielle des riz pluviaux ont été étudiées à travers la recherche de QTLs sur la population de lignées HD (IR64 x Azucena) qui est cartographiée pour plus de 250 marqueurs. En prenant la concentration virale comme caractère quantitatif, les analyses mettent en évidence un QTL sur le chromosome 12 qui est identifié aussi dans une seconde population haploïde doublée (Irat177 x Apura). Lorsque l'impact de la maladie sur la plante est prise en compte, il existe une relation très forte entre la résistance et l'architecture de la plante (hauteur-tallage) et que l'on peut mettre en évidence à travers la colocalisation des QTLs avec le gène de nanisme *sd-1* sur le chromosome 1. Les recherches d'interaction mettent en évidence une épistasie de type complémentaire entre le QTL du chromosome 12 et un autre QTL localisé sur le chromosome 7 qui explique une part importante de la variation quantitative du contenu en virus. Ces observations peuvent ainsi rendre compte de la relative inefficacité de la sélection pour la résistance

lorsqu'elle ne s'appuie que sur la résistance au champ où la composante morphologique est prédominante. Pour s'affranchir de cette composante morphologique et mieux mettre en évidence l'effet des QTLs dans un fond génétique plus homogène, une approche isogénique est développée visant à introgresser ces deux QTLs dans IR64. Plusieurs recroisements ont été réalisés à partir d'une lignée HD favorable en utilisant IR64 comme parent récurrent. La ségrégation pour la résistance est confirmée à chaque niveau dans la descendance F2 et un contrôle du fond génétique par marqueurs est effectué pour accélérer l'isogénisation et l'élimination des fragments chromosomiques non désirés du parent Azucena. Ainsi, il semble envisageable d'introgresser un niveau élevé de résistance au virus du RYMV dans un agroécotype adapté à la riziculture irriguée.

En ce qui concerne la résistance provenant d'*O. glaberrima*, un croisement F1 et un recroisement de première génération ont été obtenus entre IR64 et l'une des variétés d'*O. glaberrima* (Tog5681) qui présente ce type de résistance. La population de recroisement sur IR64 sert de référence pour établir une carte de liaison génétique à partir de marqueurs à base PCR (STS, microsatellites, AFLP). Les premiers résultats indiquent que de fortes distorsions de ségrégation sont ponctuellement observées et sont en accord avec les modèles de barrières reproductives entre les deux espèces. Suivant la localisation chromosomique des gènes de résistance, leur introgression dans le fond génétique d'*O. sativa* pourrait ainsi être rendue plus difficile ou facilitée mais en étant associée alors à une stérilité pollinique totale. Des tests de résistance au RYMV ont été réalisés à partir de boutures prélevées sur les hybrides F1 et sur certaines plantes issues de recroisement. Dans tous les cas, le contenu en virus est très élevé et suggère que la résistance est récessive. Également, des hybrides F1 ont été réalisés entre les deux sources de résistance, Tog5681 (*O. glaberrima*) et Gigante (*O. sativa*). Ces hybrides F1 présentent une résistance identique aux parents et suggèrent au moins à titre provisoire que le locus concerné par la résistance chez les deux espèces de riz pourrait être le même. Enfin, un croisement intraspécifique (IR64 x Gigante) a été réalisé et une descendance F2 à été testée directement à partir de plantes issues de semis. Une ségrégation monogénique est très clairement observée. Actuellement, une génération F3 est en cours de production pour génotyper ces individus F2 du point de vue résistance. Certains individus F2 seront ensuite choisis pour rechercher des marqueurs de résistance à partir de la confrontation de pools d'ADN de plantes sensibles ou résistantes. Les marqueurs positifs seront cartographiés sur la population HD de référence (IR64 x Azucena) et l'on testera s'il peuvent être aussi des candidats pour cartographier la résistance en provenance d'*O. glaberrima*.